

GENETIC DNA CAPABLE OF CODING ASPARTOKINASE RELEASED FROM FEEDBACK INHIBITION AND ITS UTILIZATION

**[71] Applicant: MITSUBISHI
PETROCHEM CO LTD**

[72] Inventors: SATO YUKIE;
HONNO NOBUTAKE;
KOBAYASHI MIKI;
KOHAMA KEIKO...

[21] Application No.: JP05055451

[22] Filed: 19930316

[43] Published: 19940920

[illegible]

Go to Fulltext

[57] Abstract:

PURPOSE: To obtain a new genetic DNA useful for producing L- lysine.

CONSTITUTION: This genetic DNA is capable of coding aspartokinase released from the feedback inhibition with L-lysine derived from a bacterium of the genus *Brevibacterium*, e.g. the genetic DNA expressed by the formula (R at the 835-position is A or G; Y at the 902- and the 932-positions are C or T; Y is not C when R at the 835- position is G). The genetic DNA is obtained from a chromosome of a bacterium which belongs to the genus *Brevibacterium* and has the resistance to S-(2-aminoethyl)-L-cysteine.

[51] Int'l Class: C12N01554 C12P01308 C12N01554 C12R00113
C12P01308 C12R00113

(19)日本国特許庁(JP)

(12)公開特許公報(A)

(11)特許出願公開番号

特開平6-261766

(43)公開日 平成6年(1994)9月20日

(51)Int.Cl. ³	識別記号	庁内整理番号	FI	技術表示箇所
C 1 2 N 15/54	ZNA			
C 1 2 P 13/08		A 2121-4B		
// (C 1 2 N 15/54				
C 1 2 R 1:13)				
	9050-4B	C 1 2 N 15/ 00	A	
	審査請求	未請求	請求項の数 8	OL (全 28 頁) 最終頁に続く

(21)出願番号 特願平5-55451

(22)出願日 平成5年(1993)3月16日

(71)出願人 000006057

三菱油化株式会社

東京都千代田区丸の内二丁目5番2号

(72)発明者 佐藤 幸江

茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号

三菱油化株式会社筑波総合研究所内

(72)発明者 谷野 信剛

茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号

三菱油化株式会社筑波総合研究所内

(72)発明者 小林 幹

茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号

三菱油化株式会社筑波総合研究所内

(74)代理人 弁理士 山本 隆也

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 フィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA及び

(57)【要約】 その利用

【構成】 AEC耐性を有しかつL-リジン生産性の増
加したブレバクテリウム・フラバムMJ233から単
離した、L-リジンによるフィードバックインヒビシ
ョンの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子
DNA。

【効果】 このフィードバックインヒビションの解除さ
れたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNAを導
入したコリネ型細菌内で複製増殖可能なプラスミドで形
質転換されたブレバクテリウム・フラバムMJ233
株は、L-リジンの生成量が顕著に増加した。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 プレバクテリウム属細菌由来のＬーリジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA。

【請求項2】 プレバクテリウム属細菌がプレバク

テリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) MJ233である請求項1記載の遺伝子DNA。

【請求項3】 次のDNA塩基配列

```

GTGGCCCTGG TCGTACAGAA ATATGGCGGT TCCTCGCTTG AGAGTGGCGA ACGCATTAGA 60
AACGTGCTG AACGGATCGT TGCCACCAAG AAGGCTGGAA ATAATGTCGT GGTGTCTGCG 120
TCCGCAATGG GAGACACCAC GGATGAGCTT CTAGAACTTG CTGCGGCAGT GAATCCCGTT 180
CCGCCAGCTC GTGAAATGGA TATGCTCTG ACTGCTGGTG AGCGTATTTC TAACGCTCTC 240
GTGCGCATGG CTATTGAGTC CCTGGGTGCA GAGGCTCAAT CTTTCACGGG TTCTCAGGCT 300
GGTGTGCTCA CCACCGAGCG TCACGGAAAC GCAAGCATTG TTGATGTCAC TCCAGGTCGT 360
GTGCGTGAAG CACTCGATGA GGGCAAGATC TGCATTGTTG CTGGTTTCCA GGGTGTCAAT 420
AAGGAAACCC GCGATGTCAC CAGCTTGGGT CGCGTGGTT CTGATACCAC TGCAGTTGCA 480
TTGGCAGCTG CTCTGAACGC TGATGTGTGT GAGATTTACT CAGATGTTGA CGGCGTGTAC 540
ACCGCTGACC CGCGATCGT TCCTAATGCT CAGAAGCTGG AAAAGCTCAG CTTCGAAGAA 600
ATGCTGGAAC TTGCTGCTGT TGGCTCCAAG ATTTTGGTGC TACGCAGTGT TGAATACGCT 660
CGTGCAATTA ATGTGCACT TCGCGTACGC TCGTCTTATA GCAATGATCC CGGCACTTTG 720
ATTGCCGGCT CTATGGAGGA TATTCCTGTG GAAGAAGCAG TCCTTACCGG TGTCGCAACC 780
GACAAGTCCG AAGCCAAAGT AACCGTTCTG GGTATTTCCG ATAAGCCAGG CGAGRYTGGC 840
AAGGTTTTC GTGCGTTGGC TGATGCAGAA ATCAACATTG ACATGTTCT GCAGAACGTC 900
TYCTCTGTGG AAGACGGCAC CAYCGACATC ACGTTCACCT GCGCTCGCTC TGACGGACGC 960
CGTGGATGG AGATCTTGAA GAAGCTTCAG GTTCAGGGCA ACTGGACCAA TGTGCTTTAC 1020
GACGACCAGG TCGGCAAAGT CTCCTCGTG GGTGGGGCA TGAAGTCTCA CCCAGGTGTT 1080
ACCGCAGAGT TCATGGAAGC TCTGCGGAT GTCAACGTGA ACATCGAATT GATTTCACC 1140
TCTGAGATCC GCATTTCCGT GCTGATCCGT GAAGATGATC TGGATGCTGC TGCAGTGCA 1200
CTGCATGAGC AGTCCAGCT GGGCGGCGAA GACGAAGCCG TCGTTATGC AGGCACCGGA 1260
CGC

```

(配列中、835番目のRはG又はAを示し、836番目、902番目および923番目のYはC又はTを示し、同時に、835番目のRがGであり、836番目、902番目および923番目のYがCであることはな

い。)で表されるＬーリジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA。

【請求項4】 次のアミノ酸配列

```

Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
1          5          10          15
Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
20          25          30
Gly Asn Asn Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
35          40          45
Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
50          55          60
Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
65          70          75          80
Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
85          90          95
Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
100         105         110
Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
115         120         125
Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
130         135         140
Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala

```

145 150 155 160
 Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
 165 170 175
 Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
 180 185 190
 Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
 195 200 205
 Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
 210 215 220
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 260 265 270
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu AAA Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val YYY Ser Val Glu
 290 295 300
 Asp Gly Thr ZZZ Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320
 Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala
 340 345 350
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 -----370-----375-----380-----
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400
 Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415
 Ala Gly Thr Gly Arg
 420

(配列中、279番目のAAAはAla又はThr又はValを示し、301番目のYYYはSer又はPheを示し、308番目のZZZはThr又はIleを示し、同時に、279番目のAAAがAlaであり、301番目のYYYがSerであり、308番目のZZZがThrであることはない。)で表されるL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA。

【請求項5】 請求項1～4のいずれかに記載の遺伝子DNAが導入された組換えプラスミド。

【請求項6】 請求項1～4のいずれかに記載の遺伝子DNAと、コリネ型細菌内で複製増殖機能を司る遺伝子を含むDNAを保有する組換えプラスミド。

【請求項7】 請求項6記載の組換えプラスミドで形質転換されたコリネ型細菌。

【請求項8】 グルコースを、請求項7記載のコリネ型細菌の培養菌体又は菌体処理物と接触させてL-リジンを生成せしめることを特徴とするL-リジンの製造法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】本発明は、プレビバクテリウム属細菌由来のL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ(E. C. 2. 7. 2. 4.)をコードする遺伝子DNA、該遺伝子DNAを含む組換えプラスミド、該プラスミドで形質転換されたコリネ型細菌及び該コリネ型細菌を用いるL-リジンの製造法に関する。

【0002】L-リジンは、必須アミノ酸として蛋白質中にその存在が知られ、医薬や食品添加物として用いられている。

【0003】

【従来の技術】従来、L-リジンの工業的製造法としては、グルタミン生産菌であるコリネ型細菌の各種栄養要求株、各種薬剤耐性株、各種薬剤感受性株を用いてL-リジンを製造する方法が知られている【例えば、特公昭51-21078号公報、特公昭53-1833号公報、特公昭62-8692号公報等参照】。また、組換え菌を用いた製造法も提案されている【特開昭56-160997号公報、特開昭60-62994号公報、特開昭62-79788号公報等参照】。しかしながら、従来提案されている方法によるL-リジンの製造法では、対糖収率が低く及び／又はL-リジンの蓄積に限界があり、新たな観点から、遺伝子工学的手法による菌株の改良等を含め、L-リジンをより効率的に生成させる方法の提供が強く求められている。

【0004】L-リジン生合成経路において、L-アスパラギン酸を初発とする第一ステップでアスパルトキナーゼ(E. C. 2. 7. 2. 4.)によりL-アスパラギン酸にリン酸が付加される。該アスパルトキナーゼは、最終生成物であるL-リジンにより阻害を受ける、即ちフィードバックインヒビションを受け、培地中にある濃度以上L-リジンを蓄積させることができない。このことが、微生物を用いるL-リジンの製造上の問題となっていた。

【0005】一方、アスパルトキナーゼ(E. C. 2. 7. 2. 4.)をコードする遺伝子としては、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*)由来の遺伝子【*Journal of Biological Chemistry*, 256, 10228~10230, 1981参照】がよく研究されている。また、グラム陽性細菌由来のアスパルトキナーゼ(E. C. 2. 7. 2. 4.)としては、バチルス・サチルス(*Bacillus subtilis*)、コリネバクテリウム・グルタミカム(*Corynebacterium glutamicum*)等が知られている【*Journal of Biological Chemistry*, 262, 8787-8798, 1987; *Molecular Microbiology*, 5, 1197-1204, 1991参照】。しかしながら、プレバクテリウム属由来のアスパルトキナーゼ(E. C. 2. 7. 2. 4.)をコードする遺伝子については従来の報告例は見当らない。

【0006】本発明者等は、先にプレバクテリウム・フラバム(*Brevibacterium flavum*) MJ233株染色体より、アスパルトキナーゼ遺伝子を単離し、該遺伝子を適当なベクタープラスミドに導入して、コリネ型細菌を形質転換し、該形質転換されたコリネ型細菌を用いると、効率的にL-リジンを製造しうることを見出し提案した(特願平4-24658号明細書参照)。

【0007】

【発明が解決しようとする課題】本発明の目的は、プレバクテリウム属細菌由来のL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ(E. C. 2. 7. 2. 4.)をコードする遺伝子DNAを単離し、該遺伝子を同種であるコリネ型細菌に導入し、該コリネ型細菌を用いて、新たな観点からさらに効率的にL-リジンを製造することである。

【0008】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、上記目的を達成すべく鋭意研究を重ねた結果、S-(2-アミノエチル)-L-システイン(以下これを「AEC」と略称することがある)耐性を有するプレバクテリウム属細菌染色体より、L-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子DNAが単離可能であり、該遺伝子DNAを適当なベクタープラスミドに導入して、コリネ型細菌を形質転換し、該形質転換されたコリネ型細菌を用いると、さらに効率的にL-リジンを製造し得ることを見出し本発明を完成するに至った。

【0009】かくして本発明によれば、

- (1) プレバクテリウム属細菌由来のL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA;
- (2) 後記配列表の配列番号6で示されるDNA塩基配列で表されるL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA;
- (3) 後記配列表の配列番号7で示されるアミノ酸配列で表されるL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA;
- (4) 該遺伝子DNAが導入された組換えプラスミド;
- (5) 該組換えプラスミドで形質転換されたコリネ型細菌; 及び
- (6) 該形質転換されたコリネ型細菌を用い、グルコースを原料としてL-リジンを製造する方法が提供される。

【0010】以下、本発明についてさらに詳細に説明する。本発明の「L-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA」とは、AECを含有するプレートに生育可能なコリネ型細菌のうち、リジンの生育量が増加した株の染色体より抽出したアスパルトキナーゼをコードする遺伝子DNA、すなわちL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ(E. C. 2. 7. 2. 4.)をコードする遺伝子DNAを意味するものである。

【0011】本発明のL-リジンによるフィードバックインヒビションが解除されたアスパルトキナーゼをコー

ドする遺伝子を含むDNA断片（以下、これを「A断片」と略称することがある）は、その塩基配列が決定された後においては合成することも可能であるが、通常はAEC耐性を有するアスパルトキナーゼ生産性微生物からクローニングされる場合が多く、その供給源となる微生物としては、AEC耐性を有するブレビバクテリウム属細菌、殊にAEC耐性を有するブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) MJ 233 (FERM BP-1497) およびその由来株が有利に使用される。

【0012】すなわち、A断片の好適な供給源微生物としてはアスパルトキナーゼ生産性微生物を変異処理し、AEC耐性を有しかつL-リジンの生産性の増加した微生物が使用される。変異処理を行なう微生物としては、上記したブレビバクテリウム属細菌、殊にブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) MJ 233 (FERM BP-1497) およびその由来株が有利に使用される。

【0013】これらの微生物を変異処理してA断片を調製するための基本的操作の一例を述べれば次のとおりである：まず、ブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 にN-メチル-N'-ニトロ-N-ニトログアニジン処理により変異を誘起せしめた後、この菌懸濁液をAEC 10 g/l 含有する平板培地〔尿素0.2%、硫酸0.7%、 KH_2PO_4 0.05%、 K_2HPO_4 0.05%、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.05%、 $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 6 mg/l、 $\text{MnSO}_4 \cdot 4\sim 6\text{H}_2\text{O}$ 6 mg/l、ロービオチン200 μg /l、チアミン塩酸塩100 μg /l、寒天20 g/l、グルコース2%（滅菌後添加）〕に塗抹し、し、30℃にて3日間培養し、生じたコロニーを分離することにより、AECに耐性を有する変異株ブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 を得ることができる。

【0014】上記のようにして得られた変異株を好気的に培養して、培地中に生成蓄積するL-リジンの含量が親株より増加しているものをさらに選抜することにより、AEC耐性を有しかつL-リジン生産性の増加したブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 を取得することができる。かくして得られるA断片の供給源となる微生物の好適具体例として以下の菌株を挙げることができる。

【0015】ブレビバクテリウム・フラバム MJ 233-Leu-AEC-Lys 163 (FERM P-13512)、ブレビバクテリウム・フラバム MJ 233-AEC-Lys 84 (FERM P-13511)、ブレビバクテリウム・フラバム MJ 233-AEC-Lys 242 (FERM P-13513)、ブレビバクテリウム・フラバム MJ 233-AEC-Lys 40 (FERM P-16510)。

【0016】これら変異株の菌学的性質は、AEC耐性

およびL-リジン生産性増加を除いては、親株であるブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 と同様である

（菌学的性質については、特開昭51-130592号公報参照）。次に、上記したAEC耐性を有し、かつL-リジン生産性の増加したブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 株の培養物から染色体DNAを抽出する。この染色体DNAを適当な制限酵素、例えばEcoRIを用いて染色体DNAを完全に分解する。

【0017】得られるDNA断片をクローニングベクター、例えばpHSG399（宝酒造製）に挿入し、このベクターを用いて、アスパルトキナーゼ遺伝子が欠損した大腸菌（エシェリヒア・コリ）変異株CGSC5074（エシェリヒア・コリ ジエネテック・ストック センター (*Escherichia coli* Genetic Stock Center)、デパートメント・オブ・バイオロジー、エール・ユニバーシティ (Department of Biology, Yale University); P. O. Box 6666 New Haven, CT 06511-744, U. S. A. 保存菌株) を形質転換し、AECを含有する選択培地に塗抹することにより、形質転換株を取得する。

【0018】得られる形質転換株よりプラスミドDNAを抽出し、制限酵素で解析することにより挿入されたAEC耐性を有しかつL-リジン生産性の増加したブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 株染色体由来のA断片を確認・取得することができる。かくして得られるA断片をさらに適当な制限酵素を用いて切断し、得られるDNA断片を、大腸菌で複製可能なベクタープラスミドに挿入し、このベクタープラスミドを、通常用いられる形質転換法、例えば、塩化カルシウム法、電気パルス法等による形質転換により、これを前記アスパルトキナーゼが欠損した大腸菌変異株に導入し、AECを含有する選択培地に塗抹する。

【0019】得られる形質転換体よりプラスミドDNAを抽出し、制限酵素で解析することにより挿入されたAEC耐性を有しかつL-リジン生産性の増加したブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 株染色体由来のA断片を確認・取得することができる。このようにして得られるA断片の一つは、上記AEC耐性を有しかつL-リジン生産性の増加したブレビバクテリウム・フラバム MJ 233 株の染色体DNAを制限酵素EcoRIの完全分解により切り出し、さらにそれを制限酵素NruIで切断することによって得られる大きさが約1.7 kbのDNA断片を挙げることができる。

【0020】この約1.7 kbのL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を、各種の制限酵素で切断したときの認識部位数及び切断断片の大きさを下記表1に、制限酵素による切断点地図を図1にそ

れぞれ示す。
【0021】

【表1】

表1

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
Pvu II	3	0.1、0.2、0.7、0.7
Dra I	1	0.2、1.5
Hinc II	2	0.3、0.6、0.7
Hind III	1	0.4、1.2
Bgl II	2	0.5、0.6、0.6
Pst I	2	0.4、0.6、0.7
Nco I	1	0.5、1.2
Xba I	1	0.4、1.3

【0022】なお、本明細書において、制限酵素による「認識部位数」は、DNA断片又はプラスミドを、制限酵素の存在下で完全分解し、それらの分解物をそれ自体既知の方法に従い1%アガロースゲル電気泳動および5%ポリアクリルアミドゲル電気泳動に供し、分離可能な断片の数から決定した値を採用した。

【0023】また、「切断断片の大きさ」及びプラスミドの大きさは、アガロースゲル電気泳動を用いる場合には、エシェリヒア・コリのラムダファージ (λ phage) のDNAを制限酵素HindIIIで切断して得られる分子量既知のDNA断片の同一アガロースゲル上での泳動距離で描かれる標準線に基づき、また、ポリアクリルアミドゲル電気泳動を用いる場合には、エシェリヒア・コリのファイ・エックス174ファージ (ϕ x174 phage) のDNAを制限酵素HaeIIIで切断して得られる分子量既知のDNA断片の同一ポリアクリルアミドゲル上での泳動距離で描かれる標準線に基づき、切断DNA断片又はプラスミドの各DNA断片の大きさを算出する。プラスミドの大きさは、切断断片それぞれの大きさを加算して求める。なお、各DNA断片の大きさの決定において、1kb以上の断片の大きさについては、1%アガロースゲル電気泳動によって得られる結果を採用し、約0.1kbから1kb未満の断片の大きさについては4%ポリアクリルアミドゲル電気泳動によって得られる結果を採用した。

【0024】一方、上記のAEC耐性を有しかつL-リジン生産性の増加したブレヴィバクテリウム・フラバムMJ233の染色体DNAを制限酵素NruIおよびEcoRIによって切断することにより得られる大きさが約1.7kbのDNA断片については、その塩基配列をプラスミドpUC118またはpUC119 (宝酒造製) を用いるジデオキシヌクレオチド終断法 (dideoxy chain termination法、Sanger, F. et. al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, p5463, 1977) により決定することができる。このようにして決定した上記約1.7kbのDNA断片の塩基配列のオープンリーディングフレームの存在から決定したL-リジンによる

フィードバックインヒビションが解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子は、後記配列表の配列番号2~5に示す配列を有するものであり、421個のアミノ酸をコードする1263の塩基対から構成されている。

【0025】なお、後記配列表の配列番号1に、比較対照としてAECを含有しない選択培地を用いた他は同様の方法で単離・配列を決定したブレヴィバクテリウム・フラバムMJ233染色体由来のアスパルトキナーゼ遺伝子 (以下これを「野生型のアスパルトキナーゼ遺伝子」と言うことがある。) DNAの配列を示す。また、配列番号2に前記MJ233-Leu-AEC-Lys163株より得られた配列、配列番号3にMJ233-AEC-Lys84株より得られた配列、配列番号4にMJ233-AEC-Lys242株より得られた配列、配列番号5にMJ233-AEC-Lys40株より得られた配列をそれぞれ示す。

【0026】後記配列表の配列番号1~5に示される配列から明らかとなっており、L-リジンによりフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子DNAは、野生型のアスパルトキナーゼ遺伝子DNAと比較して、835番目、836番目、902番目、923番目の塩基がそれぞれGからA、CからT、CからTに変異することによって、279番目、279番目、301番目、308番目のアミノ酸がそれぞれAlaからThr、AlaからVal、SerからPhe、ThrからIleに変化したものである。

【0027】また、逆に、この配列をもとにして、サイトダイレクトミュータジェネシス (Site-directed mutagenesis法、Kramer, W. et. al. Nucl. Acids Res., 12, p9441, 1984) を用いて人為的に変異を導入することによっても、AEC耐性を付与する変異型アスパルトキナーゼ遺伝子を得ることができる。

【0028】これらの結果から、本発明のL-リジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子DNAは、後記配列表の配列番号6に示される塩基配列又は配列番号7に示されるアミノ配

列で表されるDNAであることが判明した。上記の塩基配列を包含する本発明のLーリジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片は、天然のAEC耐性を有するプレバクテリウム属細菌染色体DNAから分離されたもののみならず、通常用いられるDNA合成装置、例えばベックマン社製System-1 Plusを用いて合成されたものであってもよい。

【0029】また、前記の如くAEC耐性を有するプレバクテリウム・フラバムMJ233変異株の染色体DNAから取得される本発明のDNA断片は、Lーリジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする機能を実質的に損なうことがない限り、塩基配列の一部の塩基が他の塩基と置換されていてもよく又は削除されていてもよく、或いは新たに塩基が挿入されていてもよく、さらに塩基配列の一部が転位されているものであってもよく、これらの誘導体のいずれもが、本発明のアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片に包含されるものである。

【0030】本発明のLーリジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(A断片)は、適当なプラスミド、例えば、コリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を少なくとも含むプラスミドベクターに導入することにより、コリネ型細菌内でアスパルトキナーゼの高発現可能な組換えプラスミドを得ることができる。

【0031】また、本発明のLーリジンによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を発現させるためのプロモーターはコリネ型細菌が保有する該遺伝子自身のプロモーターであることができるが、それに限られるものではなく、アスパルトキナーゼ遺伝子の転写を開始させるための原核生物由来の塩基配列であればいかなるプロモーターであってもよい。

【0032】本発明のA断片を導入することができる、コリネ型細菌内での複製増殖機能を司る遺伝子を少なくとも含むプラスミドベクターとしては、例えば、特開平3-210184号公報に記載のプラスミドpCRY30；特開平2-276575号公報に記載のプラスミドpCRY21、pCRY2KE、pCRY2KX、pCRY31、pCRY3KE及びpCRY3KX；特開平1-191686号公報に記載のプラスミドpCRY2及びpCRY3；特開昭58-67679号公報に記載のpAM330；特開昭58-77895号公報に記載のpHM1519；特開昭58-192900号公報に記載のpAJ655、pAJ611及びpAJ1844；特開昭57-134500号に記載のpCG1；特開昭58-35197号公報に記載のpCG2；特開昭57-183799号公報に記載のpCG4及びpCG

11等を挙げることができる。

【0033】中でもコリネ型細菌の宿主ベクター系で用いられるプラスミドベクターとしては、コリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子とコリネ型細菌内でプラスミドの安定化機能を司る遺伝子とをもつものが好ましく、例えば、プラスミドpCRY30、pCRY21、pCRY2KE、pCRY2KE、pCRY2KX、pCRY31、pCRY3KE及びpCRY3KX等が好適に使用される。

【0034】上記プラスミドベクターpCRY30を調製する方法としては、プレバクテリウム・スタチオニス(*Brevibacterium stationis*) IFO12144 (FERM BP-2515)からプラスミドpBY503(このプラスミドの詳細については特開平1-95785号公報参照)DNAを抽出し、制限酵素XhoIで大きさが約4.0kbのプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を含むDNA断片(以下これを「複製機能領域」と言うことがある。)を切り出し、制限酵素EcoRIおよびKpnIで大きさが約2.1kbのプラスミドの安定化機能を司る遺伝子を含むDNA断片(以下これを「安定化機能領域」と言うことがある。)を切り出す。これらの両断片をプラスミドpHSG298(宝酒造製)のEcoRI、KpnI部位及びSalI部位に組み込むことにより、プラスミドベクターpCRY30を調製することができる。

【0035】次に、上記プラスミドベクターへの本発明のA断片の導入は、例えばプラスミドベクター中に1個所だけ存在する制限酵素部位を、該制限酵素で開裂し、そこに前記A断片および開裂したプラスミドベクターを必要に応じてS1ヌクレアーゼで処理して平滑末端とするか、または適当なアダプターDNAの存在下にDNAリガーゼ処理で連結させることにより行うことができる。

【0036】プラスミドpCRY30への本発明のA断片の導入は、プラスミドpCRY30を制限酵素EcoRIで開裂させ、そこに前記アスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(A断片)をDNAリガーゼで連結させることにより行うことができる。このようにして造成されるプラスミドpCRY30に本発明の大きさが約1.7kbのA断片を導入した組換えプラスミドは、Lーリジンの製造に好適に用いることができる組換えプラスミドの一つであり、本発明者らはこれをプラスミドpCRY30-AK835と命名した。プラスミドpCRY30-AK835の作成方法の詳細については、後記実施例5で説明する。

【0037】このようにして造成されるLーリジンによるフィードバックインヒビションが解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子を含むコリネ型細菌内で複製増殖可能なプラスミドを、宿主微生物に導入して該微生物の培養物を用いてLーリジンを安定に効率より生産することが

可能となる。本発明によるプラスミドで形質転換しうる宿主微生物としては、コリネ型細菌、例えばプレビバクテリウム・フラバムMJ233 (FERM BP-1497)、プレビバクテリウム・フラバムMJ233-A B-41 (FERM BP-1498)、プレビバクテリウム・フラバムMJ233-ABT-11 (FERM BP-1500)、プレビバクテリウム・フラバムMJ233-ABD-21 (FERM BP-1499) 等が挙げられる。

【0038】なお、上記のFERM BP-1498の菌株は、FERM BP-1497の菌株を親株としてDL- α -アミノ酪酸耐性を積極的に付与されたエタノール酸化性微生物である(特公昭59-28398号公報第3~4欄参照)。また、FERM BP-1500の菌株は、FERM BP-1497の菌株を親株としたL- α -アミノ酪酸トランスアミナーゼ高活性変異株である(特開昭62-51998号公報参照)。さらに、FERM BP-1499の菌株はFERMBP-1497の菌株を親株としたD- α -アミノ酪酸デアミナーゼ高活性変異株である(特開昭61-177993号公報参照)。

【0039】これらの微生物の他に、プレビバクテリウム・アンモニアゲネス (*Brevibacterium ammoniagenes*) ATCC6871、同ATCC13745、同ATCC13746; プレビバクテリウム・デバリカタム (*Brevibacterium divaricatum*) ATCC14020; プレビバクテリウム・ラクトファーメンタム (*Brevibacterium lactofermentum*) ATCC13869; コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC31831等を宿主微生物として用いることもできる。

【0040】なお、宿主としてプレビバクテリウム・フラバムMJ233由来の菌株を用いる場合、本菌株が保有するプラスミドpBY502(特開昭63-36787号公報参照)のため、形質転換が困難である場合があるので、そのような場合には、本菌株よりプラスミドpBY502を除去することが望ましい。そのようなプラスミドpBY502を除去する方法としては、例えば、継代培養を繰り返すことにより自然に欠失させることも可能であるし、人為的に除去することも可能である(Bact. Rev. 36 p. 361~405 (1972) 参照)。上記プラスミドpBY502を人為的に除去する方法の一例を示せば次のとおりである。

【0041】宿主プレビバクテリウム・フラバムMJ233の生育を不完全に阻害する濃度のアクリジンオレンジ(濃度: 0.2~50 $\mu\text{g}/\text{ml}$)もしくはエチジウムブロミド(濃度: 0.2~50 $\mu\text{g}/\text{ml}$)等を含む培地に、1ml当たり約10細胞になるように植菌し、生

育を不完全に阻害しながら約24時間約35℃で培養する。培養液を希釈後寒天培地に塗布し、約35℃で約2日培養する。出現したコロニーから各々独立にプラスミド抽出操作を行い、プラスミドpBY502が除去されている株を選択する。この操作によりプラスミドpBY502が除去されたプレビバクテリウム・フラバムMJ233由来菌株が得られる。

【0042】このようにして得られるプレビバクテリウム・フラバムMJ233由来菌株への前記プラスミドの形質転換法としては、エシェリヒア・コリ及びエルビニア・カロトボラについて知られているように[Calvin, N. M. and Hanawalt, P. C., Journal of Bacteriology, 170, 2796 (1988); Ito, K., Nishida, T. and Izaki, K., Agricultural and Biological Chemistry, 52, 293 (1988) 参照]、DNA受容菌へのパルス波通電[Sato, Y. et al., Journal of Industrial Microbiology, 5, 159 (1990) 参照]によりプラスミドを導入することが可能である。

【0043】上記の方法で形質転換して得られるL-リジンによるフィードバックインヒビションが解除されたアスパルトキナーゼ産性能を有するコリネ型細菌、例えばプレビバクテリウム・フラバムMJ233由来株の培養方法を以下に述べる。培養は炭素源、窒素源、無機塩等を含む通常の栄養培地で行うことができ、炭素源としては、例えばグルコース、エタノール、メタノール、蔗糖等が、そして窒素源としては、例えばアンモニア、硫酸アンモニウム、塩化アンモニウム、硝酸アンモニウム、尿素等がそれぞれ単独もしくは混合して用いられる。また、無機塩としては、例えば、リン酸一水素カリウム、リン酸二水素カリウム、硫酸マグネシウム等が用いられる。この他にペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンステイープリカー、カザミノ酸、ビオチン等の各種ビタミン等の栄養素を培地に添加することができる。

【0044】培養は、通常、通気攪拌、振盪等の好気条件下に、約20~約40℃、好ましくは約25℃~約35℃の温度で行うことができる。培養途中のpHは5~10、好ましくは7~8付近とすることができ、培養中のpH調整は酸又はアルカリを添加して行うことができる。培養開始時の炭素源濃度は、好ましくは1~5容量%、更に好ましくは2~3容量%である。また、培養期間は通常1~7日間とすることができ、最適期間は3日間である。

【0045】このようにして得られる培養物から各々菌体を集めて、水又は適当な緩衝液で洗浄し、L-リジン生成反応に使用することができる。L-リジン生成反応においては、これらの菌体をそのまま用いることができ、あるいは超音波処理等を加えた菌体破砕物、さらに

それから分離回収した粗酵素又は精製酵素として、あるいはそれらを適当な担体に固定化して用いることができる。以上に述べた如き菌体の破砕物や粗または精製酵素、固定化物等を本明細書ではまとめて「菌体処理物」という。

【0046】しかして本発明に従えば、グルコースを、上記培養菌体又は菌体処理物と接触させて、L-リジンを生成せしめることからなるL-リジンの製造法が提供される。グルコースと上記培養菌体又は菌体処理物との接触は、通常の酵素反応と同様に、水性媒体中において、好ましくは約20～約40℃、特に約25～約35℃において行なうことができる。

【0047】生成するL-リジンは例えば、高速液体クロマトグラフィー等の手段により反応液から分離回収することができる。

【0048】

【実施例】以上に本発明を説明してきたが、下記の実施例によりさらに具体的に説明する。

参考例1

ブレバクテリウム・フラバムMJ 233由来のアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(A断片)のクローニング

【0049】(A) ブレバクテリウム・フラバムMJ 233の全DNAの抽出

半合成培地A培地〔組成：尿素2g、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 7g、 K_2HPO_4 0.5g、 KH_2PO_4 0.5g、 MgSO_4 0.5g、 $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 6mg、 $\text{MnSO}_4 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$ 6mg、酵母エキス2.5g、カザミノ酸5g、ビオチン200 μg 、塩酸チアミン200 μg 、グルコース20g、蒸留水1リットル〕1リットルに、ブレバクテリウム・フラバムMJ 233 (FERM BP-1497) を対数増殖期後期まで培養し、菌体を集めた。得られた菌体を10mg/mlの濃度にリゾチムを含む10mM NaCl-20mMトリス緩衝液(pH8.0)-1mM EDTA-2Na溶液15mlに懸濁した。次にプロテナーゼKを、最終濃度が100 $\mu\text{g}/\text{ml}$ になるように添加し、37℃で1時間保温した。さらにドデシル硫酸ナトリウムを最終濃度が0.5%になるように添加し、50℃で6時間保温して容菌した。この溶菌液に、等量のフェノール/クロロホルム溶液を添加し、室温で10分間ゆるやかに振盪した後、全量を遠心分離(5,000 \times g、20分間、10～12℃)し、上清画分を分取し、酢酸ナトリウムを0.3Mとなるように添加した後、2倍量のエタノールをゆっくりと加えた。水層とエタノール層の間に存在するDNAをガラス棒でまきとり、70%エタノールで洗浄した後、風乾した。得られたDNAに10mMトリス緩衝液(pH7.5)-1mM EDTA-2Na溶液5mlを加え、4℃で一晩静置し、以後の実験に用いた。

【0050】(B) 組換え体の創製

上記(A)項で得たブレバクテリウム・フラバムMJ 233の全DNA溶液の90 μl を制限酵素EcoRI 50unitsを用い、37℃で1時間反応させ完全分解した。このEcoRI分解DNAにクローニングベクターpHSG399(宝酒造より市販)を制限酵素EcoRIで切断した後、脱リン酸化処理したものを混合し、50mMトリス緩衝液(pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl_2 及びT4 DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し(各成分の濃度は最終濃度である)、4℃で15時間反応させ、結合させた。

【0051】(C) アスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むプラスミドの選択

上記遺伝子の選抜に用いたアスパルトキナーゼ欠損大腸菌変異株は、エシェリヒア・コリCGSC5074(t hr A1101, lys C1001, met L1000)である〔()内はアスパルトキナーゼ遺伝子型(Genotype)を示す〕。

【0052】上記(B)項で得られたプラスミド混液を用い、塩化カルシウム法(Journal of Molecular Biology, 53, 159, 1970)により前記エシェリヒア・コリCGSC5074株を形質転換し、クロラムフェニコール50mgを含む選択培地〔 K_2HPO_4 7g、 KH_2PO_4 2g、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 1g、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.1g、グルコース20g及び寒天16gを蒸留水1リットルに溶解〕に塗抹した。

【0053】この培地上の生育株を常法により液体培養し、培養液よりプラスミドDNAを抽出し、該プラスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、プラスミドpHSG399の長さ2.2kbのDNA断片に加え、長さ約3.8kbの挿入DNA断片が認められた。本プラスミドをpHSG399-AKと命名した。

【0054】(D) アスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(A)断片のサブクローニング

上記(C)項で得たプラスミドpHSG399-AKに含まれるDNA挿入断片を、必要な部分だけに小型化するために、プラスミドpUC119(宝酒造より市販)へアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を下記のとおりサブクローニングした。

【0055】上記(C)項で得たプラスミドpHSG399-AKを制限酵素EcoRI、NruIで切断したものと、プラスミドpUC119を制限酵素EcoRI、SmaIで切断したものを混合し、50mMトリス緩衝液(pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl_2 及びT4 DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し(各成分の濃度は最終濃度である)、12℃で15時間反応させ、結合

させた。

【0056】得られたプラスミド混液を用い、塩化カルシウム法 (Journal of Molecular Biology, 53, 159, 1970) により前記エシェリヒア・コリCGSC5074株を形質転換し、アンピシリン50mgを含む選択培地 [K_2HPO_4 7g, KH_2PO_4 2g, $(NH_4)_2SO_4$ 1g, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 0.1g, グルコース20g及び寒天16gを蒸留水1リットルに溶解] に塗抹した。

【0057】この培地上の生育株を常法により液体培養し、培養液よりプラスミドDNAを抽出し、該プラスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を

用いて調べたところ、プラスミドpUC119の長さ3.2kbのDNA断片に加え、長さ約1.7kbの挿入DNA断片が認められた。各種の制限で切断したときの、長さ約1.7kbのDNA断片の制限酵素認識部位数および切断断片の大きさは前記表1に示したものと同様であり、このDNA断片の制限酵素切断点地図も図1に示したものと同様であった。

【0058】また上記で得たプラスミドを各種制限酵素で切断して、切断断片の大きさを測定した。その結果を下記の表2に示す。

【0059】

【表2】

プラスミドpUC119-AK		
制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
BamH I	1	4.9
Bgl II	2	4.2, 0.6
Hind III	2	3.6, 1.2

【0060】上記の制限酵素により特徴づけられるプラスミドをpUC119-AKと命名した。以上によりアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含む大きさが約1.7kbのDNA断片 (NruI-EcoRI断片) を得ることができた。

【0061】参考例2

アスパルトキナーゼをコードする遺伝子の塩基配列の決定

実施例1の(D)項で得られたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含む長さが約1.7kbのDNA断片について、その塩基配列をプラスミドpUC118またはpUC119 (宝酒造製) を用いるジデオキシスクレオチド酵素法 (dideoxy chain termination法) (Sanger, F. et al., Proc. Nat. Acad. Sci. USA 74, 5463, 1977) により図2に示した戦略図に従って決定した。

【0062】その塩基配列中のオープンリーディングフレームの存在から、アスパルトキナーゼをコードする遺伝子は、後記配列表の配列番号1に示す塩基配列を有する421個のアミノ酸をコードする1263の塩基対より構成されていることが判明した。

【0063】参考例3

コリネ型細菌内で複製し安定なプラスミドベクターpCRY30の作成

(A) プラスミドpBY503の調製

プラスミドpBY503は、プレバクテリウム・スタチオニスIFO12144 (FERM BP-2515) から分離された分子量約10メガダルトンのプラスミドであり、特開平1-95785号公報に記載のようにして調製した。

【0064】半合成培地A培地 (尿素2g, $(NH_4)_2SO_4$ 7g, K_2HPO_4 0.5g, KH_2PO_4

40.5g, $MgSO_4$ 0.5g, $FeSO_4 \cdot 7H_2O$ 6mg, $MnSO_4 \cdot 4 \sim 6H_2O$ 6mg、酵母エキス2.5g、カザミノ酸5g、ピチオン200μg、塩酸チアミン200μg、グルコース20g及び蒸留水1リットル) 1リットルに、プレバクテリウム・スタチオニスIFO12144を対数増殖期後期まで培養し、菌体を集めた。得られた菌体を10mg/mlの濃度にリゾチームを含む緩衝液 [25mMトリス (ヒドロキシメチル) アミノメタン、10mM EDTA、50mMグルコース] 20mlに懸濁し、37℃で1時間反応させた。反応液にアルカリ-SDS液 (0.2N NaOH、1% (W/V) SDS) 40mlを添加し、緩やかに混和して室温にて15分間静置した。次に、この反応液に酢酸カリウム溶液 [5M酢酸カリウム溶液60ml、酢酸11.5ml、蒸留水28.5mlの混合液] 30mlを添加し、充分混和してから氷水中に15分間静置した。

【0065】溶菌物全量を遠心管に移し、4℃で10分間、15,000×gの遠心分離にかけ、上澄液を得た。これに等量のフェノール-クロロホルム液 (フェノール:クロロホルム=1:1混和液) を加え懸濁した後、遠心管に移し、室温で5分間、15,000×gの遠心分離にかけ、水層を回収した。水層に2倍量のエタノールを加え、-20℃で1時間静置後、4℃で10分間、15,000×gの遠心分離にかけ、沈澱を回収した。

【0066】沈澱を減圧乾燥後、TE緩衝液 [トリス10mM, EDTA 1mM; HClにてpH8.0に調整] 2mlに溶解した。溶解液に塩化セシウム溶液 [5倍濃度のTE緩衝液100mlに塩化セシウム170gを溶解させた液] 15mlと10mg/mlエチジウムブロマイド溶液1mlを加えて、密度を1.392g/mlに合わせた。この溶液を12℃で42時間、11

6, 000×gの遠心分離を行った。

【0067】プラスミドpBY503は紫外線照射により遠心管内で下方のバンドとして見いだされる。このバンドを注射器で遠心管の側面から抜きとることにより、プラスミドpBY503を含む分画液を得た。次いでこの分画液を等量のイソミルアルコールで4回処理してエチジウムブロマイドを抽出除去し、その後にTE緩衝液に対して透析を行った。このようにして得られたプラスミドpBY503を含む透析液に3M酢酸ナトリウム溶液を最終濃度30mMに添加した後、2倍量エタノールを加え、-20℃1時間静置した。この溶液を15, 000×gの遠心分離にかけてDNAを沈降させ、プラスミドpBY503を50μg得た。

【0068】

(B) プラスミドベクターpCRY30の作成

プラスミドpHSG298 (宝酒造製) 0.5μgに制限酵素SalI (5units) を37℃1時間反応させ、プラスミドDNAを完全に分解した。前記(A)項で調製したプラスミドpBY503の2μgに制限酵素XhoI (1unit) を37℃で30分間反応させ、プラスミドDNAを部分分解した。

【0069】両者のプラスミドDNA分解物を混合し、制限酵素を不活性化するために65℃で10分間加熱処理した後、該失活溶液中の成分が最終濃度として各々50mMトリス緩衝液pH7.6、10mM MgCl₂、10mMジチオスレイトール、1mM ATP及びT4 DNAリガーゼ1unitになるように各成分を強化し、16℃で15時間保温した。この溶液を用いてエシェリヒア・コリJ-M1-09コンピテントセル (宝酒造製) を形質転換した。

【0070】形質転換株は30μg/ml (最終濃度) のカナマイシン、100μg/ml (最終濃度) のIPTG (イソプロピルーβ-D-チオガラクトピラノシド) 100μg/ml (最終濃度) のX-gal (5-ブロモ-4-クロロ-3-インドリルーβ-D-ガラクトピラノシド) を含むL培地 (トリプトン10g、酵母エキス5g、NaCl 5g及び蒸留水1リットル、pH7.2) で37℃にて24時間培養し、生育株として得られた。これらの生育株のうち、白いコロニーで生育してきたものを選択し、各々プラスミドをアルカリ-SDS法 [T. Maniatis, E. F. Fritsch, J. Sambrook, "Molecular cloning" (1982) p90~91参照] により抽出した。

【0071】その結果、プラスミドpHSG298のSalI部位にプラスミドpBY503由来の約4.0kbの断片が挿入されたプラスミドpHSG298-oriが得られた。次に同様の方法を用い、前記(A)項で得られたプラスミドpBY503DNAを制限酵素KpnI及びEcoRIにて処理して得られる約2.1kb

のDNA断片を上記プラスミドpHSG298-oriのKpnI及びEcoRI部位にクローニングし、プラスミドベクターpCRY30を調製した。

【0072】参考例4

プラスミドpCRY30-AKの作成及びコリネ型細菌への導入

参考例1の(C)項で得られたプラスミドpHSG39-AK5μgを制限酵素EcoRIおよびNruIを各5units用い、37℃で1時間反応させ分解したものと、EcoRIリンカー (宝酒造より市販) 1μlを混合し、50mMトリス緩衝液 (pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl₂ およびT4 DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し (各成分の濃度は最終濃度である)、12℃で15時間反応させ結合させた。

【0073】このDNAを制限酵素EcoRI 3unitsを用い37℃で1時間反応させ分解したものと、参考例3の(B)項で得られたプラスミドpCRY30 1μgを制限酵素EcoRI 1unitを用い、37℃で1時間反応させ分解したものを混合し、50mMトリス緩衝液 (pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl₂ およびT4 DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し (各成分の濃度は最終濃度である)、12℃で15時間反応させ結合させた。このプラスミドを用いて、前記方法に従い前記エシェリヒア・コリCGSG5074株を形質転換し、カナマイシン50μg/mlを含む選択培地 [K₂HPO₄ 7g、KH₂PO₄ 2g、(NH₄)₂SO₄ 1g、MgSO₄·7H₂O 0.1g、グルコース20g及び寒天16gを蒸留水1リットルに溶解] に塗抹した。

【0074】この培地上の生育株を常法により液体培養し、培養液よりプラスミドDNAを抽出し、該プラスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、プラスミドpCRY30の長さ8.6kbのDNA断片に加え、大きさ約1.7kbの挿入DNA断片が認められた。上記の如く調製されたプラスミドDNAを、コリネ型細菌へ形質転換した。

【0075】形質転換は、電気パルス法を用いて次のとおり行った。プレバクテリウム・フラバムMJ233 (FERM BP-1497) プラスミドpBY502除去株を100mlの前記A培地で対数増殖初期まで培養し、ペニシリンGを1ユニット/mlになるように添加して、さらに2時間振盪培養し、遠心分離により菌体を集め、菌体を20mlのバルス用溶液 (272mM Sucrose、7mM KH₂PO₄、1mM MgCl₂; pH7.4) にて洗浄した。さらに菌体を遠心分離して集め、5mlのバルス用溶液に懸濁し、0.75mlの細胞と、前記で得られたプラスミドDNA溶液50μlとを混合し、水中にて20分間静置した。ジーン

バルサー（バイオラ社製）を用いて、2500ボルト、25μFDに設定し、パルスを印加後水中に20分間静置した。全量を3mlの前記A培地に移し30℃にて1時間培養後、カナマイシン15μg/ml（最終濃度）を含む前記A寒天培地に植菌し30℃で2～3日間培養した。出現したカナマイシン耐性株より、前記実施

例3（A）項に記載の方法を用いてプラスミドを得た。このプラスミドを各種制限酵素で切断して、切断断片の大きさを測定した。その結果を下記の表3に示す。

【0076】

【表3】

表3 プラスミドpCRY30-AK		
制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
BamHI	1	10.4
KpnI	1	10.4
SacI	1	10.4
XhoI	1	10.4
EcoRI	2	1.7、8.7
XbaI	2	3.4、7.0
SphI	3	1.7、2.1、6.6
PstI	4	0.4、1.7、3.3、5.0

【0077】上記の制限酵素により特徴づけられるプラスミドをpCRY30-AKと命名した。なお、プラスミドpCRY30-AKにより形質転換されたプレバクテリウム・フラバムMJ233-AKは、茨城県つくば市東1丁目1番3号の工業技術院生命工学工業技術研究所に、微工研菌寄第12658号（FERM P-12658）として寄託されている。

【0078】実施例1

プレバクテリウム・フラバムMJ233のAEC耐性変異株の取得

1) AEC耐性株の分離

培地（尿素0.4%、硫酸1.4%、KH₂PO₄ 0.05%、K₂HPO₄ 0.05%、MgSO₄・7H₂O 0.05%、FeSO₄・7H₂O 6mg/l、MnSO₄・4~6H₂O 6mg/l、ビオチン200μg/l、チアミン塩酸塩100μg/l、カザミノ酸0.1%、酵母エキス0.1%）50mlを500ml容三角フラスコに分注、滅菌し、pH7に調節した後、プレバクテリウム・フラバムMJ233を植菌し、無菌的にグルコースを5g/lの濃度になるように加え、30℃にて2日間振盪培養を行なった。

【0079】菌体を回収し、TMバッファー（Tris 24.2g/l、マレイン酸23.2g/lの液を25mlと0.2N NaOH15mlを混合し、100mlにメスアップする）5mlで1回洗浄を行なった。N-メチル-N'-ニトロ-N-ニトログアニジン300μg/mlを含む上記TMバッファーに菌を懸濁し、30℃で2時間インキュベートした。

【0080】この菌体処理液を上記培地（カザミノ酸、酵母エキスを除く）にて2回洗浄したのち、AEC10g/lを含有する平板培地（尿素0.2%、硫酸0.7%、KH₂PO₄ 0.05%、K₂HPO₄ 0.05%、MgSO₄・7H₂O 0.05%、FeSO₄・7H₂O 6mg/l、MnSO₄・4~6H₂O 6

mg/l、ロービオチン200μg/l、チアミン塩酸塩100μg/l、寒天20g/l、グルコース2%（滅菌後添加））に塗抹し、30℃にて3日間培養し、生じたコロニーを分離した。

【0081】次に生じたコロニーを100mlの上記培地を用いて培養し、集菌後2回洗浄し、L-リジンの定量を行なった。L-リジンの定量は、高速液体クロマトグラフィー（島津LC-5A）を用いて行なった。この結果、AEC耐性株中にL-リジンの生成量が、野生型に比べて著しく増大した株が存在し、これを次のとおり命名した。

【0082】プレバクテリウム・フラバムMJ233-Leu-AEC-Lys163-（FERM P-13512）、プレバクテリウム・フラバムMJ233-AEC-Lys84（FERMP-13511）、プレバクテリウム・フラバムMJ233-AEC-Lys242（FERMP-13513）、プレバクテリウム・フラバムMJ233-AEC-Lys40（FERMP-13510）。

【0083】上記した各菌株は、茨城県つくば市東1丁目1番1号の工業技術院生命工学工業技術研究所に寄託されている。これらの菌株を以下の実験に用いた。

【0084】

2) AEC耐性株のアスパルトキナーゼ活性の測定

培地（尿素0.4%、硫酸アンモニウム1.4%、KH₂PO₄ 0.05%、K₂HPO₄ 0.05%、MgSO₄・7H₂O 0.05%、CaCl₂・2H₂O 2ppm、FeSO₄・7H₂O 2ppm、MnSO₄・4~6H₂O 2ppm、ZnSO₄・7H₂O 2ppm、NaCl 2ppm、ビオチン200μg/l、チアミン・HCl 100μg/l、カザミノ酸0.1%、酵母エキス0.1%）10mlを24φ試験管に分注、滅菌（滅菌後pH7.0）した後上記1）項で得たAEC耐性を有するプレバクテリウム・フラバ

ム (*Brevibacterium flavum*) を各々植菌し、無菌的にグルコースを5 g/lの濃度になるように加え、30℃にて2日間振盪培養を行った。

【0085】次に、本培養培地(グルコース5%、硫酸アンモニウム2.3%、 KH_2PO_4 0.05%、 K_2HPO_4 0.05%、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.05%、 $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 20 ppm、 $\text{MnSO}_4 \cdot 4\sim 6\text{H}_2\text{O}$ 20 ppm、ビオチン200 $\mu\text{g/l}$ 、チアミン $\cdot\text{HCl}$ 100 $\mu\text{g/l}$ 、カザミノ酸0.1%、酵母エキス0.3%)の100 mlを500 ml容三角フラスコに分注、滅菌(120℃、20分間)後、前記前培養物の1 mlを添加して温度33℃にて24時間培養を行った。

【0086】培養終了後、培養物100 mlから遠心分離にて集菌後、脱塩蒸留水にて洗浄した菌体を100 mMリン酸カリウム緩衝液(pH 7.8)で1回洗浄後、同緩衝液を2 ml添加し、ガラスビーズ1 gを加えた。超音波にて菌体を破碎した後、12,000 rpm、40分間遠心し上清を得た。アスパルトキナーゼ活性を測定する反応液[アスパラギン酸カリウム(pH 8) 1050 mM、ATP 20 mM、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 30 mM、 $\text{Tris} \cdot \text{HCl}$ (pH 8) 100 mM、ヒドロキシルアミン600 mM]に調製した上清0.1 mlを加え全体を1 mlにしたのち、37℃で1時間反応させた。これに2.5 mlの呈色液[5% $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ と、12% TCAと3N HCl を等量混合したもの]を添加し、遠心後上清の540 nmの吸光度を測定した。

【0087】反応液にスレオニン(Thr)、リジン(Lys)をまったく無添加のときの値を100とし、これに対するThr、Lysをそれぞれ100 mM、200 mM添加したときの割合を、脱感作度と定義した。野生型の株のアスパルトキナーゼの脱感作度は0%であるのに対し、変異株MJ233-Leu-AEC-Lys163、MJ233-AEC-Lys84、MJ233-AEC-Lys242、MJ233-AEC-Lys40ではそれぞれ70%、50%、80%、40%であった。すなわちAEC耐性の変異株1、2、3、4、では、アスパルトキナーゼがLys、Thrに対するフィードバックインヒビションが解除されていることが確認された。

【0088】実施例2

フィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子の単離および同定

実施例1で得られた各菌株を同様の培地で培養し以下の方法で染色体DNAを回収した。

【0089】得られた菌体を10 mg/mlの濃度にリゾチームを含む10 mM NaCl -20 mMトリス緩衝液(pH 8.0)-1 mM EDTA-2 Na溶液15 mlに懸濁した。次にプロテナーゼKを、最終濃度が

100 $\mu\text{g/ml}$ になるように添加し、37℃で1時間保温した。さらにドデシル硫酸ナトリウムを最終濃度が0.5%になるように添加し、50℃で6時間保温して溶菌した。この溶菌液に、等量のフェノール/クロロホルム溶液を添加し、室温で10分間ゆるやかに振盪した後、全量を遠心分離(5,000 $\times g$ 、20分間、10~12℃)し、上清画分を分取し、酢酸ナトリウムを0.3Mとなるように添加した後、2倍量のエタノールをゆっくりと加えた。水層とエタノール層の間に存在するDNAをガラス棒でまきとり、70%エタノールで洗浄した後、風乾した。得られたDNAに10 mMトリス緩衝液(pH 7.5)-1 mM EDTA-2 Na溶液5 mlを加え、4℃で一晩静置し、以後の実験に用いた。

【0090】次に、上記で各菌株から得られた染色体DNAを制限酵素EcoRI、NruI各10 unitsで完全に分解し、プラスミドpUC119を制限酵素EcoRI、SmaI各2 unitsで切断したものを各々混合し、50 mMトリス緩衝液(pH 7.6)、10 mMジチオスレイトール、1 mM ATP、10 mM MgCl_2 及びT4 DNAリガーゼ1 unitの各成分を添加し12℃で16時間反応させ結合させた。

【0091】得られた各プラスミド混液を用い、塩化カルシウム法(Journal of Molecular Biology 53, 159, 1970)により、前記アスパルトキナーゼ欠損大腸菌変異株、エシェリヒア・コリCGSC5074(thr A1101, lys C1001, met L1000)〔()内はアスパルトキナーゼ遺伝子型(genotype)を示す〕を各々形質転換し、アンピシリン50 mgを含む選択培地(K_2HPO_4 7 g、 KH_2PO_4 2 g (N_2) $_2\text{SO}_4$ 1 g、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.1 g、グルコース20 g、寒天16 g、1リットルにメスアップ)に各々塗抹した。生育してきた各コロニーをAEC5 g/lを含む同選択培地に各々塗抹し、AEC耐性であることを確認した。

【0092】この各々の培地上の生育株を常法により液体培養し、培養液より各プラスミドDNAを抽出し、該プラスミドを制限酵素により各々切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、プラスミドpUC119の長さ3.2 kbのDNA断片に加え、長さ約1.7 kbの挿入DNA断片が認められた。各種の制限で切断したときの、長さ約1.7 kbのDNA断片の制限酵素認識部位数および切断断片の大きさは、各変異株から得られたものとも同種であり、前記表1に示したとおりであった。

【0093】また上記で得たMJ233-Leu-AEC-Lys163より得られた1.7 kbのDNA断片が導入されたプラスミド(プラスミドpUC119-AK835)を各種制限酵素で切断して、切断断片の大き

さを測定した。その結果を下記の表4に示す。

【表4】

【0094】

表4 プラスミドpUC119-AK835		
制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (k b)
BamH I	1	4. 9
Bgl II	2	4. 2、0. 6
Hind III	2	3. 6、1. 2

【0095】なお、他変異株から得られた1. 7 k bのDNA断片が導入された各プラスミドの制限酵素認識部位数および切断断片の大きさは表4に示したものと同様であった。

【0096】実施例3

フィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子の塩基配列の決定

実施例2で得られたフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子DNA断片について、その塩基配列をプラスミドpUC118またはpUC119を用いるジスクレオチド酵素法 (dideoxy chain termination法、Songer et. al., Proc. Natl. Acad. Res. USA., 74, 5463, 1977) により決定した。

【0097】その塩基配列中のオープンリーディングフレームの存在から、フィードバックインヒビションが解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子は、後記配列表の配列番号2～5に示す塩基配列を有する421個のアミノ酸をコードする1263塩基対より構成されていることが判明した。その配列は、野生型のアスパルトキナーゼ配列 (配列番号1) と比べて、835番目のGがAに変異することにより279番目のアミノ酸がAlaからThrに変化したもの (配列番号2)、836番目のCがTに変異することにより279番目のアミノ酸がAlaからValに変化したもの (配列番号3)、902番目のCがTに変異することにより301番目のアミノ酸がSerからPheに変化したもの (配列番号4)、923番目のCがTに変化することにより308番目のアミノ酸がThrからIleに変化したもの (配列番号5) であることがわかった。

【0098】実施例4

サイトダイレクトミュータジエネシスによる人為的フィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼ遺伝子の作成

野生型アスパルトキナーゼ遺伝子がpUC119にクローニングされたプラスミドpUC119-AK (参考例1) を用いて下記の方法にて変異を導入した。

【0099】まず、pUC119-AKを含むエシェリヒア・コリJM109 (宝酒造製) にM13KO7ファージ (宝酒造製) を感染させて常法に従い1本鎖DNAを作製した。この1本鎖DNAと、pUC119を95℃、5分間加熱し急冷したものを混合し、アニーリング

させることにより、野生型アスパルトキナーゼ遺伝子部分が1本鎖でベクター部分が2本鎖である分子を形成させた。

【0100】これに実施例3で見出した変異部分を中央に含む25merの1本鎖合成DNAを4種類作製しそれぞれ混合した。さらにDNAポリメラーゼによりギャップを修復したのち、それぞれ、実施例1で使用したアスパルトキナーゼ欠損大腸菌変異株、エシェリヒア・コリCGSC5074株に導入し、AEC10g/lを含む前記選択培地に塗抹した。

【0101】生じたコロニーよりそれぞれプラスミドを抽出し、実施例3と同様の方法で塩基配列を決定したところ、それぞれ配列番号2～5に示した配列と全く同様の配列を有していた。

【0102】実施例5

プラスミドpCRY30-AK835の作成及びコリネ型細菌への導入

実施例2で得られたプラスミドpUC119-AK835 5μgを制限酵素EcoRIおよびNruIを各5 units用い、37℃で1時間反応させ分解したものと、EcoRIリンカー (宝酒造より市販) 1μlを混合し、50mMトリス緩衝液 (pH7. 6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl₂ およびT4 DNAリガーゼ1 unitの各成分を添加し (各成分の濃度は最終濃度である)、12℃で15時間反応させ結合させた。

【0103】このDNAを制限酵素EcoRI 3 unitsを用い37℃で1時間反応させ分解したものと、参考例3の (B) 項で得られたプラスミドpCRY30 1μgを制限酵素EcoRI 1 unitを用い、37℃で1時間反応させ分解したものを混合し、50mMトリス緩衝液 (pH7. 6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl₂ およびT4 DNAリガーゼ1 unitの各成分を添加し (各成分の濃度は最終濃度である)、12℃で15時間反応させ結合させた。このプラスミドを用いて、前記方法に従い前記エシェリヒア・コリCGSC5074株を形質転換し、カナマイシン50μg/mlを含む選択培地 [K₂HPO₄ 7g、KH₂PO₄ 2g、(NH₄)₂SO₄ 1g、MgSO₄・7H₂O 0. 1g、グルコース20g及び寒天16gを蒸留水1リットルに溶解] に塗抹した。

【0104】この培地上の生育株を常法により液体培養

し、培養液よりプラスミドDNAを抽出し、該プラスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、プラスミドpCRY30の長さ8.6kbのDNA断片に加え、大きさ1.7kbの挿入DNA断片が認められた。上記の如く調製されたプラスミドDNAを、コリネ型細菌へ形質転換した。

【0105】形質転換は、電気パルス法を用いて次のとおり行った。プレバクテリウム・フラバムMJ233 (FERM BP-1497) プラスミドpBY502除去株を100mlの前記A培地で対数増殖初期まで培養し、ペニシリンGを1ユニット/mlになるように添加して、さらに2時間振盪培養し、遠心分離により菌体を集め、菌体を20mlのバルス用溶液 (272mM Sucrose, 7mM KH_2PO_4 、1mM MgCl_2 ; pH7.4) にて洗浄した。さらに菌体を遠心分

離して集め、5mlのバルス用溶液に懸濁し、0.75mlの細胞と、前記で得られたプラスミドDNA溶液50 μ lとを混合し、水中にて20分間静置した。ジーンパルサー (パイオラド社製) を用いて、2500ボルト、25 μ FDに設定し、パルスを印加後水中に20分間静置した。全量を3mlの前記A培地に移し30℃にて1時間培養後、カナマイシン15 μ g/ml (最終濃度) を含む前記A寒天培地に植菌し30℃で2~3日間培養した。出現したカナマイシン耐性株より、前記実施例3 (A) 項に記載の方法を用いてプラスミドを得た。このプラスミドを各種制限酵素で切断して、切断断片の大きさを測定した。その結果を下記の表5に示す。

【0106】

【表5】

表5 プラスミドpCRY30-AK835		
制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
BamHI	1	10.4
KpnI	1	10.4
SacI	1	10.4
XhoI	1	10.4
EcoRI	2	1.7、8.7
XbaI	2	3.4、7.0
SphI	3	1.7、2.1、6.6
PstI	4	0.4、1.7、3.3、5.0

【0107】上記の制限酵素により特徴づけられるプラスミドをpCRY30-AK835と命名した。なお、プラスミドpCRY30-AK835により形質転換されたプレバクテリウム・フラバムMJ233-AK835は、茨城県つくば市東1丁目1番3号の工業技術院生命工学工業技術研究所に、平成5年3月4日付で受託番号: FERM P-13508として寄託されている。

【0108】実施例6

レーリジンの生産

培地 (尿素0.4%、硫酸アンモニウム1.4%、 KH_2PO_4 0.05%、 K_2HPO_4 0.05%、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.05%、 $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 2ppm、 $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 2ppm、 $\text{MnSO}_4 \cdot 4\sim 6\text{H}_2\text{O}$ 2ppm、 $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 2ppm、NaCl 2ppm、ビオチン200 μ g/l、チアミン \cdot HCl 100 μ g/l、カザミノ酸0.1%、酵母エキス0.1%) 10mlを500ml容三角フラスコに分注、滅菌 (滅菌後pH7.0) した後プレバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) MJ233-AK835 (FERM P-13508号) を植菌し、無菌的にグルコースを5g/lの濃度になるように加え、30℃にて2日間振盪培養を行った。

【0109】次に、本培養培地 (グルコース5%、硫酸

アンモニウム2.3%、 KH_2PO_4 0.05%、 K_2HPO_4 0.05%、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.05%、 $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 20ppm、 $\text{MnSO}_4 \cdot 4\sim 6\text{H}_2\text{O}$ 20ppm、ビオチン200 μ g/l、チアミン \cdot HCl 100 μ g/l、カザミノ酸0.3%、酵母エキス0.3%) の1000mlを2リットル容通気攪拌槽に仕込み、滅菌 (120℃、20分間) 後、前記前培養物の20mlを添加して、回転数1000rpm、通気量1vvm、温度33℃、pH7.6にて24時間培養を行った。

【0110】培養終了後、培養物500mlから遠心分離にて集菌後、脱塩蒸留水にて2度洗浄した菌体を反応液 [(NH_4)₂SO₄ 2g/l; KH_2PO_4 0.5g/l; KH_2PO_4 0.5g/l; $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.5g/l; $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 20ppm; $\text{MnSO}_4 \cdot 4\sim 6\text{H}_2\text{O}$ 20ppm; チアミン塩酸塩100 μ g/l; pH7.6] の1000mlに懸濁後、該懸濁液を2リットル容通気攪拌槽に仕込み、グルコース9gを添加して、回転数300rpm、通気量0.1vvm、温度33℃、pH7.6にて24時間反応を行った。

【0111】反応終了後、遠心分離 (4000rpm、15分間、4℃) にて除菌した上清液中のレーリジンを定量した。この反応終了後の培養液500mlを、強酸性陽イオン交換樹脂 (H^+ 型) のカラムに通してレー

ジンを吸着させ、水洗後、0.5Nアンモニア水で溶出させた後、L-リジン画分を濃縮し、冷エタノールでL-リジンの結晶を析出させた。

【0112】また、比較例として、同様の条件にて、プレバクテリウム・フラバムMJ233 (FERM B P-1497) およびプレバクテリウム・フラバムM

J233-AK (FERM P-12658) を培養し、同様の条件にて反応させた後にL-リジンを定量し、同様の条件にてL-リジンの結晶を得た。それらの結果を表6に示す。

【0113】

【表6】

表6

菌株	プラスミド	L-リジン生成量	結晶析出量
MJ233-AK835	pCRY30-AK835	8.0 g/l	2000 mg
MJ233-AK	pCRY30-AK	1.5 g/l	400 mg
MJ233	---	0.6 g/l	120 mg

【0114】

【配列表】

配列番号: 1

配列の長さ: 1263

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: Genomic DNA

起源

生物名: プレバクテリウム フラバム

株名: MJ233

配列の特徴

特徴を表す記号: peptide

存在位置: 1-1263

特徴を決定した方法: P

【0115】

配列

```

GTG GCC CTG GTC GTA CAG AAA TAT GGC GGT TCC TCG CTT GAG AGT GCG
Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
1          5          10          15
GAA CGC ATT AGA AAC GTC GCT GAA CGG ATC GTT GCC ACC AAG AAG GCT
Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
20         25         30
GGA AAT AAT GTC GTG GTT GTC TGC TCC GCA ATG GGA GAC ACC ACG GAT
Gly Asn Asn Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
35         40         45
GAG CTT CTA GAA CTT GCT GCG GCA GTG AAT CCC GTT CCG CCA GCT CGT
Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
50         55         60
GAA ATG GAT ATG CTC CTG ACT GCT GGT GAG CGT ATT TCT AAC GCT CTC
Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
65         70         75         80
GTC GCC ATG GCT ATT GAG TCC CTG GGT GCA GAG GCT CAA TCT TTC ACG
Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
85         90         95
GGT TCT CAG GCT GGT GTG CTC ACC ACC GAG CGT CAC GGA AAC GCA CGC
Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
100        105        110
ATT GTT GAT GTC ACT CCA GGT CGT GTG CGT GAA GCA CTC GAT GAG GGC
Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
115        120        125
AAG ATC TGC ATT GTT GCT GGT TTC CAG GGT GTC AAT AAG GAA ACC CGC
Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
130        135        140
GAT GTC ACC ACG TTG GGT CGC GGT GGT TCT GAT ACC ACT GCA GTT GCA
Asp Val Thr Thr Leu Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala
145        150        155        160

```

TTG GCA GCT GCT CTG AAC GCT GAT GTG TGT GAG ATT TAC TCA GAT GTT
 Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
 165 170 175
 GAC GGC GTG TAC ACC GCT GAC CCG CGC ATC GTT CCT AAT GCT CAG AAG
 Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
 180 185 190
 CTG GAA AAG CTC AGC TTC GAA GAA ATG CTG GAA CTT GCT GCT GTT GGC
 Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
 195 200 205
 TCC AAG ATT TTG GTG CTA CGC AGT GTT GAA TAC GCT CGT GCA TTC AAT
 Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
 210 215 220
 GTG CCA CTT CGC GTA CGC TCG TCT TAT AGC AAT GAT CCC GGC ACT TTG
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240
 ATT GCC GGC TCT ATG GAG GAT ATT CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255
 GGT GTC GCA ACC GAC AAG TCC GAA GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 260 265 270
 TCC GAT AAG CCA GGC GAG GCT GCG AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285
 GCA GAA ATC AAC ATT GAC ATG GTT CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu
 290 295 300
 GAC GGC ACC ACC GAC ATC ACG TTC ACC TGC CCT CGC TCT GAC GGA CGC
 Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320
 Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335
 AAT GTG CTT TAC GAC GAC CAG GTC GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCG
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala
 340 345 350
 GGC ATG AAG TCT CAC CCA GGT GTT ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365
 CGC GAT GTC AAC GTG AAC ATC GAA TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 370 375 380
 ATT TCC GTG CTG ATC CGT GAA GAT GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400
 CTG CAT GAG CAG TTC CAG CTG GGC GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT
 Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415
 GCA GGC ACC GGA CGC
 Ala Gly Thr Gly Arg
 420

【0116】配列番号: 2

配列の長さ: 1263

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: Genomic DNA

起源

生物名: プレバクテリウム フラバム

株名: MJ233-Leu-AEC-Lys163

配列の特徴

特徴を表す記号: peptide

存在位置: 1-1263

特徴を決定した方法: E

【0117】

配列

```
GTG GCC CTG GTC GTA CAG AAA TAT GGC GGT TCC TCG CTT GAG AGT GCG
Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
  1           5           10           15
GAA CGC ATT AGA AAC GTC GCT GAA CGG ATC GTT GCC ACC AAG AAG GCT
Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
      20           25           30
GGA AAT AAT GTC GTG GTT GTC TGC TCC GCA ATG GGA GAC ACC ACG GAT
Gly Asn Asn Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
      35           40           45
GAG CTT CTA GAA CTT GCT CGC GCA GTG AAT CCC GTT CCG CCA GCT CGT
Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
      50           55           60
GAA ATG GAT ATG CTC CTG ACT GCT GGT GAG CGT ATT TCT AAC GCT CTC
Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
      65           70           75           80
GTC GCC ATG GCT ATT GAG TCC CTG GGT GCA GAG GCT CAA TCT TTC ACG
Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
      85           90           95
GGT TCT CAG GCT GGT GTG CTC ACC ACC GAG CGT CAC GGA AAC GCA CGC
Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
     100       105       110
ATT GTT GAT GTC ACT CCA GGT CGT GTG CGT GAA GCA CTC GAT GAG GGC
Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
     115       120       125
AAG ATC TGC ATT GTT GCT GGT TTC CAG GGT GTC AAT AAG GAA ACC CGC
Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
     130       135       140
GAT GTC ACC ACG TTG GGT CGC GGT GGT TCT GAT ACC ACT GCA GTT GCA
Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala
     145       150       155       160
TTG GCA GCT GCT CTG AAC GCT GAT GTG TGT GAG ATT TAC TCA GAT GTT
Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
     165       170       175
GAC GGC GTG TAC ACC GCT GAC CCG CGC ATC GTT CCT AAT GCT CAG AAG
Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
     180       185       190
CTG GAA AAG CTC AGC TTC GAA GAA ATG CTG GAA CTT GCT GCT GTT GGC
Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
     195       200       205
TCC AAG ATT TTG GTG CTA CGC AGT GTT GAA TAC GCT CGT GCA TTC AAT
Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
     210       215       220
```

GTG CCA CTT CGC GTA CGC TCG TCT TAT AGC AAT GAT CCC GGC ACT TTG
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240
 ATT GCC GGC TCT ATG GAG GAT ATT CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255
 GGT GTC GCA ACC GAC AAG TCC GAA GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 TCC GAT AAG CCA GGC GAG ACT GCG AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu Thr Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285
 GCA GAA ATC AAC ATT GAC ATG GTT CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu
 290 295 300
 GAC GGC ACC ACC GAC ATC ACG TTC ACC TGC CCT CGC TCT GAC GGA CGC
 Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320
 CGT GCG ATG GAG ATC TTG AAG AAG CTT CAG GTT CAG GGC AAC TCG ACC
 Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335
 AAT GTG CTT TAC GAC GAC CAG GTC GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCG
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala
 340 345 350
 GGC ATG AAG TCT CAC CCA GGT GTT ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365
 CGC GAT GTC AAC GTG AAC ATC GAA TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 370 375 380
 ATT TCC GTG CTG ATC CGT GAA GAT GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400
 CTG CAT GAG CAG TTC CAG CTG GGC GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT
 Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415
 GCA GGC ACC GGA CGC
 Ala Gly Thr Gly Arg
 420

【0118】配列番号：3

配列の長さ：1263

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

起源

生物名：プレビパクレリウム フラバム

株名：MJ233-AEC-Lys84

配列の特徴

特徴を表す記号：peptide

存在位置：1-1263

特徴を決定した方法：E

【0119】

配列

GTG GCC CTG GTC GTA CAG AAA TAT GGC GGT TCC TCG CTT GAG AGT GCG
 Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
 1 5 10 15
 GAA CGC ATT AGA AAC GTC GCT GAA CGG ATC GTT GGC ACC AAG AAG GCT

Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
 20 25 30
 GGA AAT AAT GTC GTG GTT GTC TGC TCC GCA ATG GGA GAC ACC ACG GAT
 Gly Asn Asn Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
 35 40 45
 GAG CTT CTA GAA CTT GCT GCG GCA GTG AAT CCC GTT CCG CCA GCT CGT
 Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
 50 55 60
 GAA ATG GAT ATG CTC CTG ACT GCT GGT GAG CGT ATT TCT AAC GCT CTC
 Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
 65 70 75 80
 GTC GCC ATG GCT ATT GAG TCC CTG GGT GCA GAG GCT CAA TCT TTC ACG
 Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
 85 90 95
 GGT TCT CAG GCT GGT GTG CTC ACC ACC GAG CGT CAC GGA AAC GCA CGC
 Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
 100 105 110
 ATT GTT GAT GTC ACT CCA GGT CGT GTG CGT GAA GCA CTC GAT GAG GGC
 Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
 115 120 125
 AAG ATC TGC ATT GTT GCT GGT TTC CAG GGT GTC AAT AAG GAA ACC CGC
 Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
 130 135 140
 GAT GTC ACC ACG TTG GGT CGC GGT GGT TCT GAT ACC ACT GCA GTT GCA
 Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala
 145 150 155 160
 TTG GCA GCT GCT CTG AAC GCT GAT GTG TGT GAG ATT TAC TCA GAT GTT
 Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
 165 170 175
 GAC GGC GTG TAC ACC GCT GAC CCG CGC ATC GTT CCT AAT GCT CAG AAG
 Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
 180 185 190
 CTG GAA AAG CTC AGC TTC GAA GAA ATG CTG GAA CTT GCT GCT GTT GGC
 Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
 195 200 205
 TCC AAG ATT TTG GTG CTA CGC AGT GTT GAA TAC GCT CGT GCA TTC AAT
 Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
 210 215 220
 GTG CCA CTT CGC GTA CGC TCG TCT TAT AGC AAT GAT CCC GGC ACT TTG
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240
 ATT GCC GGC TCT ATG GAG GAT ATT CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255
 GGT GTC GCA ACC GAC AAG TCC GAA GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 260 265 270
 TCC GAT AAG CCA GGC GAG GTT GCG AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu Val Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285

GCA GAA ATC AAC ATT GAC ATG GTT CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu
 290 295 300
 GAC GGC ACC ACC GAC ATC ACG TTC ACC TGC CCT CGC TCT GAC GGA CGC
 Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320
 CGT GCG ATG GAG ATC TTG AAG AAG CTT CAG GTT CAG GGC AAC TGG ACC
 Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335
 AAT GTG CTT TAC GAC GAC CAG GTC GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCG
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala
 340 345 350
 GGC ATG AAG TCT CAC CCA GGT GTT ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365
 CGC GAT GTC AAC GTG AAC ATC GAA TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 370 375 380
 ATT TCC GTG CTG ATC CGT GAA GAT GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400
 CTG CAT GAG CAG TTC CAG CTG GGC GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT
 Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415
 GCA GGC ACC GGA CGC
 Ala Gly Thr Gly Arg
 420

【0120】配列番号：4

配列の長さ：1263

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

起源

生物名：プレビバクテリウム フラバム

株名：MJ233-AEC-Lys242

配列の特徴

特徴を表す記号：peptide

存在位置：1-1263

特徴を決定した方法：E

【0121】

配列

GTG GCC CTG GTC GTA CAG AAA TAT GGC GGT TCC TCG CTT GAG AGT GCG
 Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
 1 5 10 15
 GAA CGC ATT AGA AAC GTC GCT GAA CGG ATC GTT GCC ACC AAG AAG GCT
 Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
 20 25 30
 GGA AAT AAT GTC GTG GTT GTC TGC TCC GCA ATG GGA GAC ACC ACG GAT
 Gly Asn Asn Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
 35 40 45
 GAG CTT CTA GAA CTT GCT GCG GCA GTG AAT CCC GTT CCG CCA GCT CGT
 Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
 50 55 60
 GAA ATG GAT ATG CTC CTG ACT GCT GGT GAG CGT ATT TCT AAC GCT CTC
 Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
 65 70 75 80

GTC GCC ATG GCT ATT GAG TCC CTG GGT GCA GAG GCT CAA TCT TTC ACG
 Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
 85 90 95
 GGT TCT CAG GCT GGT GTG CTC ACC ACC GAG CGT CAC GGA AAC GCA CGC
 Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
 100 105 110
 ATT GTT GAT GTC ACT CCA GGT CGT GTG CGT GAA GCA CTC GAT GAG GGC
 Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
 115 120 125
 AAG ATC TGC ATT GTT GCT GGT TTC CAG GGT GTC AAT AAG GAA ACC CGC
 Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
 130 135 140
 GAT GTC ACC ACG TTG GGT CGC GGT GGT TCT GAT ACC ACT GCA GTT GCA
 Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala
 145 150 155 160
 TTG GCA GCT GCT CTG AAC GCT GAT GTG TGT GAG ATT TAC TCA GAT GTT
 Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
 165 170 175
 GAC GGC GTG TAC ACC GCT GAC CCG CGC ATC GTT CCT AAT GCT CAG AAG
 Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
 180 185 190
 CTG GAA AAG CTC AGC TTC GAA GAA ATG CTG GAA CTT GCT GCT GTT GGC
 Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
 195 200 205
 TCC AAG ATT TTG GTG CTA CGC AGT GTT GAA TAC GCT CGT GCA TTC AAT
 Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
 210 215 220
 GTG CCA CTT CGC GTA CGC TCG TCT TAT AGC AAT GAT CCC GGC ACT TTG
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240
 ATT GCC GGC TCT ATG GAG GAT ATT CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255
 GGT GTC GCA ACC GAC AAG TCC GAA GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 260 265 270
 TCC GAT AAG CCA GGC GAG GCT GCG AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285
 GCA GAA ATC AAC ATT GAC ATG GTT CTG CAG AAC GTC TTC TCT GTG GAA
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Phe Ser Val Glu
 290 295 300
 GAC GGC ACC ACC GAC ATC ACG TTC ACC TGC CCT CGC TCT GAC GGA CGC
 Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320
 CGT GCG ATG GAG ATC TTG AAG AAG CTT CAG GTT CAG GGC AAC TGG ACC
 Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335
 AAT GTG CTT TAC GAC GAC CAG GTC GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCG
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala

340 345 350
 GGC ATG AAG TCT CAC CCA GGT GTT ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365
 CGC GAT GTC AAC GTG AAC ATC GAA TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 370 375 380
 ATT TCC GTG CTG ATC CGT GAA GAT GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400
 CTG CAT GAG CAG TTC CAG CTG GGC GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT
 Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415
 GCA GGC ACC GGA CGC
 Ala Gly Thr Gly Arg
 420

【0122】配列番号: 5

配列の長さ: 1263

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: Genomic DNA

起源

生物名: プレビバクテリウム フラバム

株名: MJ233-AEC-Lys40

配列の特徴

特徴を表す記号: peptide

存在位置: 1-1263

特徴を決定した方法: E

【0123】

配列

GTG GCC CTG GTC GTA CAG AAA TAT GGC GGT TCC TCG CTT GAG AGT GCG
 Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
 1 5 10 15
 GAA CGC ATT AGA AAC GTC GCT GAA CGG ATC GTT GCC ACC AAG AAG GCT
 Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
 20 25 30
 GGA AAT AAT GTC GTG GTT GTC TGC TCC GCA ATG GGA GAC ACC ACG GAT
 Gly Asn Asn Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
 35 40 45
 GAG CTT CTA GAA CTT GCT GCG GCA GTG AAT CCC GTT CCG CCA GCT CGT
 Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
 50 55 60
 GAA ATG GAT ATG CTC CTG ACT GCT GGT GAG CGT ATT TCT AAC GCT CTC
 Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
 65 70 75 80
 GTC GCC ATG GCT ATT GAG TCC CTG GGT GCA GAG GCT CAA TCT TTC ACG
 Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
 85 90 95
 GGT TCT CAG GCT GGT GTG CTC ACC ACC GAG CGT CAC GGA AAC GCA CGC
 Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
 100 105 110
 ATT GTT GAT GTC ACT CCA GGT CGT GTG CGT GAA GCA CTC GAT GAG GGC
 Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
 115 120 125
 AAG ATC TGC ATT GTT GCT GGT TTC CAG GGT GTC AAT AAG GAA ACC CGC
 Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg

130 135 140
 GAT GTC ACC ACC TTG GGT CGC GGT GGT TCT GAT ACC ACT GCA GTT GCA
 Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala
 145 150 155 160
 TTG GCA GCT GCT CTG AAC GCT GAT GTG TGT GAG ATT TAC TCA GAT GTT
 Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
 165 170 175
 GAC GGC GTG TAC ACC GCT GAC CCG CGC ATC GTT CCT AAT GCT CAG AAG
 Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
 180 185 190
 CTG GAA AAG CTC AGC TTC GAA GAA ATG CTG GAA CTT GCT GCT GTT GGC
 Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
 195 200 205
 TCC AAG ATT TTG GTG CTA CGC AGT GTT GAA TAC GCT CGT GCA TTC AAT
 Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
 210 215 220
 GTG CCA CTT CGC GTA CGC TCG TCT TAT AGC AAT GAT CCC GGC ACT TTG
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240
 ATT GCC GGC TCT ATG GAG GAT ATT CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255
 GGT GTC GCA ACC GAC AAG TCC GAA GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 260 265 270
 TCC GAT AAG CCA GGC GAG GCT GCG AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285
 GCA GAA ATC AAC ATT GAC ATG GTT CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu
 290 295 300
 GAC GGC ACC ATC GAC ATC ACG TTC ACC TGC CCT CGC TCT GAC GGA CGC
 Asp Gly Thr Ile Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320
 CGT GCG ATG GAG ATC TTG AAG AAG CTT CAG GTT CAG GGC AAC TCG ACC
 Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335
 AAT GTG CTT TAC GAC GAC CAG GTC GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCG
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala
 340 345 350
 GGC ATG AAG TCT CAC CCA GGT GTT ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365
 CGC GAT GTC AAC GTG AAC ATC GAA TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 370 375 380
 ATT TCC GTG CTG ATC CGT GAA GAT GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400
 CTG CAT GAG CAG TTC CAG CTG GGC GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT

Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415
 GCA GGC ACC GGA CGC
 Ala Gly Thr Gly Arg
 420

【0124】配列番号: 6

配列の長さ: 1263

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: Genomic DNA

起源

生物名: プレビバクテリウム フラバム

株名: MJ233

配列の特徴

特徴を表す記号: peptide

存在位置: 1-1263

特徴を決定した方法: E

他の情報: 835 番目のR はG またはA を示し、836 番目、902 番目および923 番目のY はC またはT を示し、同時に、835 番目のR がG であり、836 番目、902 番目および923 番目のY がC であることはない。

【0125】

配列

GTGGCCCTGG TCGTACAGAA ATATGGCGGT TCCTGGCTTG AGAGTGGGA ACGCATTAGA 60
 AACGTGCTG AACGGATCGT TGCCACCAAG AAGGCTGGAA ATAATGTCGT GGTGTCTGTC 120
 TCCGCAATGG GAGACACCAC GGATGAGCTT CTAGAAGTTG CTCGGGCACT GAATCCCGTT 180
 CCGCCAGCTC GTGAAATGGA TATGCTCCTG ACTGCTGGTG AGCGTATTTC TAACGCTCTC 240
 GTCGCCATGG CTATTGAGTC CCTGGGTGCA GAGGCTCAAT CTTTCACGGG TTCTCAGGCT 300
 GGTGTGCTCA CCACCGAGCG TCACGGAAAC GCACGCATTG TTGATGTCAC TCCAGGTCGT 360
 GTGCGTGAAG CACTCGATGA GGGCAAGATC TGCATTGTTG CTGGTTTCCA GGGTGTCAAT 420
 AAGGAAACCC GCGATGTCAC CACGTTGGGT CGCGTGGTT CTGATACCAC TGCAGTTGCA 480
 TTGGCAGCTG CTCTGAACGC TGATGTGTGT GAGATTACT CAGATGTGA CGGCGTGATC 540
 ACCGCTGACC CGGCATCGT TCTAATGCT CAGAAGCTGG AAAAGCTCAG CTTCGAAGAA 600
 ATGCTGGAAC TTGCTGCTGT TGGCTCCAAG ATTTTGGTGC TACGCAGTGT TGAATACGCT 660
 CGTGCAITCA ATGTGCACT TCGCGTACGC TCGCTTATA GCAATGATCC CGGCACCTTG 720
 ATTGCCGGCT CTATGGAGGA TATTCCTGTG GAAGAAGCAG TCCTTACCGG TGTGCAACC 780
 GACAAGTCCG AAGCCAAAGT AACGTTCTG GGTATTTCG ATAAGCCAGG CGAGRYTGC 840
 AAGGTTTTCC GTGGTTTGGC TGATGCAGAA ATCAACATTG ACATGGTTCT GCAGAACGTC 900
 TYCTCTGTGG AAGACGGCAC CAYCGACATC ACGTTCACCT GCGCTGCTC TGACGGAGCG 960
 CGTGCGATGG AGATCTTGAA GAAGCTTCAG GTTCAGGGCA ACTGGACCAA TGTGCTTTAC 1020
 GACGACCAGG TCGGCAAGT CTCCTCGTG GGTGCGGGCA TGAAGTCTCA CCCAGGTGTT 1080
 ACCGAGAGT TCATGGAAGC TCTGCGGAT GTCAACGTGA ACATCGAATT GATTCCACC 1140
 TCTGAGATCC GCATTTCCGT GCTGATCCGT GAAGATGATC TGGATGCTGC TGCACGTGCA 1200
 CTGCATGAGC AGTTCCAGCT GGGCGGCGAA GACGAAGCG TCGTTTATGC AGGCACCGGA 1260
 CGC 1263

【0126】配列番号: 7

配列の長さ: 421

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

起源

生物名: プレビバクテリウム フラバム

株名: MJ233

配列の特徴

特徴を表す記号: peptide

存在位置: 1-421

特徴を決定した方法: E

他の情報: 279 番目のAAA はAla またはThr またはVal を示し、301 番目のYYYはSer またはPhe を示し、308 番目のZZZ はThr またはIle を示し、同時に、279 番目のAAA がAla であり、301 番目のYYY がSer であり、308 番目のZZZがThr であることはない。

【0127】

配列

Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
 1 5 10 15
 Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala

	20		25		30
Gly	Asn	Asn	Val	Val	Val
	35		40		45
Glu	Leu	Leu	Glu	Leu	Ala
	50		55		60
Glu	Met	Asp	Met	Leu	Leu
65			70		75
Val	Ala	Met	Ala	Ile	Glu
	85		90		95
Gly	Ser	Gln	Ala	Gly	Val
	100		105		110
Ile	Val	Asp	Val	Thr	Pro
	115		120		125
Lys	Ile	Cys	Ile	Val	Ala
	130		135		140
Asp	Val	Thr	Thr	Leu	Gly
145			150		155
Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Asn
	165		170		175
Asp	Gly	Val	Tyr	Thr	Ala
	180		185		190
Leu	Glu	Lys	Leu	Ser	Phe
	195		200		205
Ser	Lys	Ile	Leu	Val	Leu
	210		215		220
Val	Pro	Leu	Arg	Val	Arg
225			230		235
Ile	Ala	Gly	Ser	Met	Glu
	245		250		255
Gly	Val	Ala	Thr	Asp	Lys
	260		265		270
Ser	Asp	Lys	Pro	Gly	Glu
	275		280		285
Ala	Glu	Ile	Asn	Ile	Asp
	290		295		300
Asp	Gly	Thr	ZZZ	Asp	Ile
305			310		315
Arg	Ala	Met	Glu	Ile	Leu
	325		330		335
Asn	Val	Leu	Tyr	Asp	Asp
	340		345		350
Gly	Met	Lys	Ser	His	Pro
	355		360		365
Arg	Asp	Val	Asn	Val	Asn
	370		375		380
Ile	Ser	Val	Leu	Ile	Arg
385			390		395
Leu	His	Glu	Gln	Phe	Gln
	405		410		415
Ala	Gly	Thr	Gly	Arg	

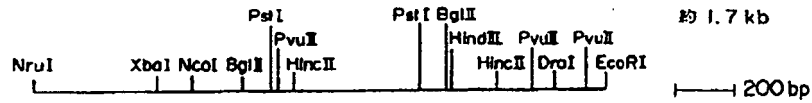
【図面の簡単な説明】

【図1】本発明のレーザによるフィードバックインヒビションの解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片の制限酵素による切断点地図。

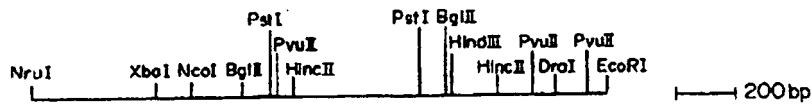
【図2】大きさが約1.7 kbの本発明DNA断片の塩基配列決定のための概略図。

【図3】本発明のプラスミドpCRY30-AK835の制限酵素切断点地図。

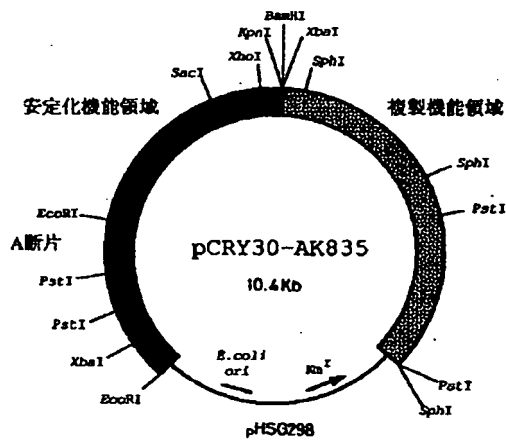
【図1】



【図2】



【図3】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. ⁵

(C 1 2 P 13/08

C 1 2 R 1:13)

識別記号

庁内整理番号

F 1

技術表示箇所

(72)発明者 小浜 恵子
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号
三菱油化株式会社筑波総合研究所内

(72)発明者 久留主 泰朗
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号
三菱油化株式会社筑波総合研究所内
(72)発明者 湯川 英明
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号
三菱油化株式会社筑波総合研究所内